1	MIIDSKTTLPRHSLIHTIKLNSNKKYGPGDMTNGNQFIISKQEW	44
_	:: : . . . :: :. : MILGNGKTLPKHIRLAHIFATQNSSAKKDNPLGPEGMVTKDGFIISKEEW	50
1	MILGNGKTLPKHIRLAHIFATQNSSARKDNPLGPEGMVIKDGFIISKELW	50
4 5	ATIGAYIQTGLGLPVNEQQLRTHVNLSQDISIPSDFSQLYDVYCSDKTSA	94
45	:. : : :::: 	_
51	AFVQAYVTTGTGLPINDDEMRRHVGLPSRIQIPDDFNQLYKVYNEDKHLC	100
95	EWWNKNLYPLIIKSANDIASYGFKVAGDPSIKKDGYFKKLQDELDNIVDN	144
	. : ::	
101	SWWNGFLFPLVLKTANDISAYGFKCAGKGATKGYYEVMQDDVENISDN	148
		191
145	NSDDDATAKATKDFKARCGILITEARQIEEAAKNIVISIDQFIMGDQ	J
149	GYDKVAQEKAHKDLQARCKILIKEADQYKAAADDVSKHLNTFLKGGQDSD	198
192	.KKLEGVINIQKRLKEVQTALNQAHGESSPAHKELLEKVKNLKTTLERTI	240
	: .: . : : :. . . .: -	
199	GNDVIGVEAVQVQLAQVKDNLDGLYGDKSPRHEELLKKVDDLKKELEAAI	248
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	290
241	KAEQDLEKKVEYSFLLGPLLGFVVYEILENTAVQHIKNQIDEIKKQLDSA	250
249	KAENELEKKVKMSFALGPLLGFVVYEILELTAVKSIHKKVEALQAELDTA	298
291	QHDLDRDVKIIGMLNSINTDIDNLYSQGQEAIKVFQKLQGIWATIGAQIE	340
	: : : : : : : : : : :	
299	NDELDRDVKILGMMNSIDTDIDNMLEQGEQALVVFRKIAGIWSVISLNIG	348
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	390
341	NLRTTSLQEVQDSDDADEIQIELEDASDAWLVVAQEARDFTLNAYSTNSR	370
349	NLRETSLKEIEEENDDDALYIELGDAAGQWKEIAEEAQSFVLNAYTP	395
J-1		
391	QNLPINVISDSCNCSTTNMTSNQYSNPTTNMTSNQYMISHEYTSLPNNFM	440